EP 1 131 447 B1

Glu Gly Tyr Gln Ser Ser Gly Thr Ser Ser Ile Asn Val Gly Gly 180 185 190

```
<210>11
      <211> 191
      <212> PRT
       <213> Streptomyces lividans
       <400> 11
10
              Ala Thr Thr Ile Thr Thr Asn Gln Thr Gly Thr Asp Gly Met Tyr Tyr
              Ser Phe Trp Thr Asp Gly Gly Gly Ser Val Ser Met Thr Leu Asn Gly
                                                                     30
                                                 25
              Gly Gly Ser Tyr Ser Thr Gln Trp Thr Asn Cys Gly Asn Phe Val Ala
                                           . 40
20
              Gly Lys Gly Trp Ser Thr Gly Asp Gly Asn Val Arg Tyr Asn Gly Tyr
                                         55
              Phe Asn Pro Val Gly Asn Gly Tyr Gly Cys Leu Tyr Gly Trp Thr Ser
25 .
              Asn Pro Lau Val Glu Tyr Tyr Ile Val Asp Asn Trp Gly Ser Tyr Arg
              Pro Thr Gly Thr Tyr Lys Gly Thr Val Ser Ser Asp Gly Gly Thr Tyr
30
              Asp Ile Tyr Gln Thr Thr Arg Tyr Asn Ala Pro Ser Val Glu Gly Thr
                                            120
 35
              Lys Thr Phe Gin Gln Tyr Trp Ser Val Arg Gln Ser Lys Val Thr Ser
                                        135
              Gly Ser Gly Thr Ile Thr Thr Gly Asn His Phe Asp Ala Trp Ala Arg
 40
               Ala Gly Met Asn Met Gly Glo Phe Arg Tyr Met Ile Asn Ala Thr
                                                     170
               Glu Gly Tyr Gln Ser Ser Gly Ser Ser Asn Ile Thr Val Ser Gly
 45
                                                                     190
                                                185
                           180
        <210> 12
         <211> 189
 50
         <212> PRT
         <213> Streptomyces sp.
```

28

<400> 12

55

	1	The			S									•		
<i>5</i>		Trp		20												
		Şer	35					-								
10		Gly 50					22									
15	65	Asn				70										•
13		Pro			85											
20	•	Thr		100		•										
		Ila	115					120								
25		Ala 130					135					,				
30	149					150	1									
<i>3</i> v		. Asn			165					•					Glu 175	GJA
35	Тул	c Glr	. Sei	Sex 180	Gly	Sex	Sex	The	r Ile 185	Thx i	· Val	Ser	Gly	•		
	<210> 13 <211> 189															
40	<212> PR7 <213> The <400> 13	Γ	onospo	ora fus	ca											
45		a Vai	l Th	r Sei	c Ast	n G1:	u Th	r Gl	y Tyn	r His	a Asg	Gly	r Tyr	Phe	Тух 15	Ser
	Ph	e Tr	p Th	r Asj	0 0	a Pr	o Gl	y Th	r Val	1 Sei 5	r Met	: Glu	Le.	Gly 30	Pro	Gly

Gly Acn Tyr Ser Thr Ser Trp Arg Asn Thr Gly Asn Fhe Val Ala Gly
35 40 45

		Lys	50					55					00				
5		Phe 65					70					, 3					•-
10		Asn				85		•			30		·			,	
		Pro			100	•				105	•				110		
15		qeA	•	115					120								
20			130					135					140	Lys			
20		245					150					733	•	Ala			100
25		•				165					170			Thr	Glu	Gly 175	Tyr
		Gla	Ser	Ser	180 Gly	Ser	Ser	Asn	_Val	Thr 185	Leu	Gly	Thr	Sex			
30	<210><211><211><212><213><400>	190 PRT Triche	oderm	a harz	ianum												
25		1				5	•				7.0	•					
40					20)				2:	•						GJA
•				35	5				4	Ų							GJA
45	,		50	3		•		5	5				-				сĵλ
50		65	i				7	.				,,	•				Ser 80
		Arg	, Ası	n Pro	o Lei	1 Ile 8		и Ту	т Ту	r Ile	2 Va) 90	l Glu	Asn	. Phe	Gly	7hr 95	Tyr

650-846-6009

<i>5</i> .	Asn	Pro	Ser	Thr 100	Gly	Ala	Thx	Lys	Leu 105	Gly	Glu	Val	The	Ser 110	Asp	Gly
	, Ser	Val	Tyr 115	Asp	Ile	Tyr	Arg	Thr 120	Gln	Arg	Val	Asn	Gln 125	Pro	Şex	Ile
10		Gly 130					135					140				•
	145					150					133					
15	Ser	His	GJA	Leu	Thr 165	Leu	Gly	Thr	Met	Asp 170	Tyr	Gln	Ile	Val	Ala 175	Val
20	Glu	Gly	Тух	Phe 180	Ser	Ser	Gly	Ser	Ala 185	Ser	Ile	Thr ·	Val	5e±		
25	<210> 15 <211> 178 <212> PRT <213> Trichod <400> 15	erma re	eęşal													
30	. Ala	. Ser	Ile	Asn	Tyr	Asp	Gln	Asn	Tyr	Gln 10	Thr	Cly	Gly	Gln	Val 15	Ser
	נעד	Ser	Pro	Sex 20	neA	Thr	Gly	Phe	Şer 25	Val	Asn	Trp	Asn	Thr 30	Gln	Ąsp
35	EK	Phe	Val 35		Gly	Val	Gly	Trp 40	Thr	Thr	Gly	Ser	5er 45	Ala	Pro	Ile
40		, Phe , 50					55					0.0				
	Va.1 6:	L Tyr	Gly	TIP	Ser	Thx 70	, Asn	Pro	Leu	Val	Gl u 75	.Tyr	Tyx	.Tle	Met	Glu 80
45	Asj	AST	His	Asn	Tyr B5	PTO	Alz	Gln	Gly	Thr 90	Val	Lys	Gly	Thr	val 95	Thr
		qaA n		100					105	•		•		140		
50		Ser	115	}				120	ı				.145			
en	Ası	ser 130		Arg	Thz	Sei	Gly	Thr	Val	Thr	Val	GlE 140	Asn	His	Phe	Asn

	145					150										
5	Val	Ala	Val	Glu	rea GJA	Trp	Gly	Gly	Ser	Gly 170	Ser	Ala	Ser	Gln	Ser 175	Val
10	ser	Aşn														
15	<210> 16 <211> 190 <212> PRT <213> Trick <400> 16		ia 1885	ei												
20					5					10						
		r Trp		20					2.3							
25		y Glr	35					40					•			
•		S)				22	ı				'	•			Gly
30	6	5				70										Ser 80
		g Asi			B5											
35				100)				10.	•						Gly
40			11:	5				11.	•							Ile
	22	e Gl		r Ala	Thr	Phe	13:	r Gla S	Y TY:	TX]	se:	r Val	Arg	Arg	Asn	, Hiz
45	14	5				150	,									160
ra '	GI	n Gl	n Gl	y Let	1 Thi	Leu	G 1	y Thi	r Me	17	p Ty:	r Glr	Ile	val	175	Val
50	G)	lu Gl	у Ту	r Ph	e Sex	e Sei	: Gl	y Se:	r Al 18	a Se	r Ile	e Thi	r Val	. Ser 190		
5 .9	<210> 1' <211> 1' <212> P	90														

<213> Trichoderma viride <400> 17'

<400> 18

50

5	1	Thr			5					LU				•		
	Tyx	Trp	Asn,	Asp 20	Gly	Kis	Gly	Gly	Val 25	Thr	Tyr	The	Asn	30 GJA	Pro	Gly .
10	Gly	Gln	Phe 35	Ser	Val	n'eA	Trp	Ser 40	αeA	Ser	Gly	neA	Phe 45	Val	Gly	Gly
15	Lys	Gly 50	TΞŢ	Gln	Pro	Gly	Thr 55	Lys	neA	Ļys	Val	Ile 60	Asn	Phe	Ser	Gly
	Ser 65	Tyr	neA	Pro	Asn	Gly 70	Asn	Ser,	Tyr	Leu	Ser 75	val	Tyr	Gly	Trp	Ser 80
20	Arg	Asn	Pro	Leu	Ile 85	€J <i>⊓</i>	TYT	Tyr	Ile	val 90	Glu	neA	Phe	Gly	Thx 95	Tyr
	Arn	Pro	Ser	Thr 100	Gly	Ala	Thr	Lys	Leu 105	Gly	Glч	Val	Thr	Ser 110	Asp	Gly
25	Ser	Val	тут 115	qeA	Île	Тух	Arg	Thr 120	GJu	Arg	Val	Asn	Gln 125	Pro	Şer	Ile
30		Gly	Thr	Ala	Thr	Phe	Tyr 135	Gln	Tyr	Îrp	Ser	Val 140	Arg	Arg	Thr	H15
30	Arg 145	Şer	Ser	Gly	Ser	Val 150	Asn	Thr	Ala	Asn	His 155	Phe	Asn	Ala	Trp	Ala 160
35	Gln	Gln	Gly	Leu	7hr 165	Leu	GJY	Thr	Met	Asp 170	Tyr	Gln	Ile	Val	Ala 175	Val
	Сĵл	Cly	тут	Phe 180	Ser	Ser	Cly	Ser	Ala 185	Ser	Ile	Thr	Val	Ser 190		
40																
	<210> 18				•											
	<211>586															
	<212> DNA														•	
	<213> Artifi	cial \$6	equenc	e												
45	<220> <223> Desi	cription	of Ar	tificial	Seque	nçe:T	rX syr	thetic	seque	nce						

33

```
ctagctaagg aggetgeaga tgeaaacaat acaaccagga accggttaca acaacggtta 60
        ctttacage tartggaacg atggeratgg tggtgttace taracaaacg ggcccggagg 120
        ccaatttage gtcaattggt cteactccgg aaacttcgta ggtggaaaag gttggcaacc 180
        egggaccasa sacasggtga teasettete tggatettat asteegastg ggasttesta 240
        ctraagegte tatggetggt ctagaaacee actgattgaa tattacattg tegaaaattt 300
        cggtacctac aatccgagta ccggcgccac aaaattaggc gaagtcacta gtgatggatc 160
        egtatatgat atecacegta eccaaegegt taateageea tegateattg gaseegeeae 420
       cttttatcag tactggagtg ctagacgtaa tcateggago teeggttegg ttaatactge 480
       gaatcacttt aatgeatggg cacageaagg gttaacceta ggtacaatgg attatcaaat 540
10
        egrageggtg gaaggetact tetegagtgg theegetagt attacagtga getaaa
        <210> 19
        <211>40
15
        <212> DNA
        <213> Artificial Sequence
        <223> Description of Artificial Sequence: Trx-110C Synthetic Sequence
        <400> 19
20
        atatacggat ccatcacasg tgacttegec taatttigtg
                                               40
        <210> 20
        <211>68
        <212> DNA.
25
        <213> Artificial Sequence
        <220>
        <223> Description of Artificial Sequence:Tx-110C-2
        <400> 20
           gegedacasa attaggegaa greacitgig atggateegi atatgatate tacegtaece 60
30
            aacgcgtt
         <210> 21
35
         <211> 42
         <212> DNA
         <213> Artificial Sequence
         <220>
         <223> Description of Artificial Sequence:Tx-103b
 40
         <400> 21
                                                   42
         patcagccat cgatcattgg aaccgccacc tittatcagt ac
         <210> 22
         <211> 64
         <212> DNA
         <213> Artificial Sequence
 45
         <220>
         <223> Description of Artificial Sequence:XyTv-109
         Synthetic sequence
         <400> 22
         ggtggcggtt ccaatgateg atggctgett aacgegttgg gtacggtage tate
 50
         <210> 23
         <211>48
         <212> DNA
         <213> Artificial Sequence
 55
         <220>
         <223> Description of Artificial Sequence:Tx-108b
         <400> 23
         cyaaccygag ctccgatgat tacgtctaac actccagtac tgataasa
```

```
<210> 24
         <211>52
         <212> DNA
         <213> Artificial Sequence
5
         <220>
         <223> Description of Artificial Sequence:Tx-154C
         Synthetic sequence
         <400> 24
                                                                     52
         ctagggitaa cccttgtgat gcccaggcat taaagtggca tgcagtatta ac
10
         <211> 84
         <212> DNA
         <213> Artificial Sequence
         <220>
         <223> Description of Artificial Sequence:Tx-154C-2
15
         <400> 25
              tggagtgtta gacgtaatca tcggagetec ggttcggtta atactgeatg ccactttaat 60
              gcctgggcac agcaagggtt aacc
20
         <210> 26
         <211> 34
         <212> DNA
25
         <213> Artificial Sequence
          <220>
          <223> Description of Artificial Sequence:Tx-162H-3
          <400> 26
         ccaettcaat gcatgggcae agcacgggtt aacc
                                                    34
30
         <210> 27
          <211> 42
          <212> DNA
          <213> Artificial Sequence
          <220>
          <223> Description of Artificial Sequence:TrX-182H-4
35
          ctagggttaa cccgtgctgt gcccatgcat tgaagtggca tg
          <210> 28
          <211>58
          <212> DNA
40
          <213> Artificial Sequence
          <220>
          <223> Description of Artificial Sequence: XyTv-101
                                                                              58
          togacaetti eggtacetae aateegagea eeggegeeae aaaaltagge gaagteae
45
          <210> 29
          <211> 52
          <212> DNA
          <213> Artificial Sequence
50
          <220>
          <223> Description of Artificial Sequence :XyTv-102
          <400> 29
          tagtgatgga toogtatatg atatctaccg tacccaacgc gitaatcagc ca
                                                                      52
          <210>30
          <211>60
55
          <212> DNA
          <213> Artificial Sequence
          <220>
```

```
<223> Description of Artificial Sequence:TrX-103
        <400> 30
        togateatig geacogocae cititateag taciggagig tragacgiaa teatoggage
        <210> 31
        <211>69
        <212> DNA
        <213> Artificial Sequence
        <220>
         <223> Description of Artificial Sequence:XyTv-104
         <400> 31
10
          tecggttegg ttaatactge gaateaettt aatgeatggg cacageaagg gttaaceeta 60
          ggtacaatg
15
         <210> 32
         <211>67
         <212> DNA
         <213> Artificial Sequence
20
         <220>
         <223> Description of Artificial Sequence:XyTv-105
         <400> 32
          gattatessa tegtageggt ggaaggetae ttetegagtg gtteegetag tattacagtg 60
25
          <210> 33
          <211>53
          <212> DNA
 30
          <213> Artificial Sequence
          <220>
          <223> Description of Artificial Sequence:XyTv-106 synthetic sequence
          <400> 33
          gatetttago teactgtaat actageggaa eeactegaga agtageette cae
 35
          <210> 34
          <211>66
          <212> DNA
          <213> Artificial Sequence
 40
          <220>
          <223> Description of Artificial Sequence:XyTv-107
          <400> 34
              egetacgatt tgataateca ttgtacctag ggttaaccet tgctgtgccc atgcattaaa 60
 45
              gtgatt
           <210> 35
           <211>60
           <212> DNA
  50
           <213> Artificial Sequence.
           <223> Description of Artificial Sequence:TrX-108
           <400> 35
           cgcagtatta accgaaccgg agotocgatg attacgtota acactocagt actgataaaa
                                                                             60
           <210> 36
           <211> 73
           <212> DNA
```

```
<213> Artificial Sequence
       <220>
       <223> Description of Artificial Sequence:XyTv-110
       <400> 36
           atatacggat ccatcactag tgacttcgcc taattttgtg gcgccggtac tcggattgta 60
5
           ggtaccgama ttg
        <210>37
10
        <211> 78
        <212> DNA
        <213> Artificial Sequence
        <220>
        <223> Description of Artificial Sequence:TrX-1
15
        <400> 37
             ctagetaagg aggetgeaga tgeaaacaat acaaccagga accggttaca acaacggtta 60
             cttttacage tattgg
20
         <210> 38
         <211> 78
         <212> DNA
         <213> Artificial Sequence
 25
         <220>
          <223> Description of Artificial Sequence:XyTv-2
          <400> 38
            aacgatggcc atggtggtgt tacctataca aacgggcccg gaggccaatt tagcgtcaat 60
 30
            tggtctaact ccggaaac
  35
          <210> 39
          <211> 78
          <212> DNA
          <213> Artificial Sequence
          <220>
          <223> Description of Artificial Sequence:TrX-3
  40
          <400> 39
             ttogtaggtg gasaaggttg goascooggg accaassata aggtgatosa ottototgga 60
             tottataato ogaatggg
  45
           <210> 40
           <211> 74
           <212> DNA
           <213> Artificial Sequence
           <220>
           <223> Description of Artificial Sequence:XyTv-4
           <400> 40
          aattcatact taagogtota tggotggtot agaaacccac tgattgaata ttacattgto 60
   55
          gasastttcg gtac
```

```
<210>41
        <211> 85
        <212> DNA
        <213> Artificial Sequence
5
        <220>
        <223> Description of Artificial Sequence :XyTv-5
        <400> 41
            geaaatttte garaatgtaa tatteaatea gigggittet agaceagera tagaegetta 60
10
             agtatgaatt cccattcgga ttate
         <210> 42
         <211>78
15
         <212> DNA
         <213> Artificial Sequence
         <220>
         <223> Description of Artificial Sequence: Trx-6Synthetic sequence
         <400> 42
20
             agatecagag aagttgatea cettatttt ggteeegggt tgeeaacett tteeacetae 60
             gasgtttccg gagttaga
25
         <210> 43
         <211>84
         <212> DNA
         <213> Artificial Sequence
         <220>
         <223> Description of Artificial Sequence:XyTv-7
30
         Synthetic sequence
         <400> 43
             ccaertgacg ctaeattggc ctrogggccc gtttgtatag gtaacaccac catggccatc 60
35
             gttccaatag ctgtaaaagt aacc
         <210> 44
 40
          <211>51
         <212> DNA
          <213> Artificial Sequence
          <220>
          <223> Description of Artificial Sequence:TrX-8 synthetic
 45
         sequence
          <400> 44
          gtigtigtaa eeggtieetg gtigtatigt tigeatetge ageoteetia g
                                                             51
          <210> 45
          <211> 40
          <212> DNA
 50
          <213> Artificial Sequence
          <223> Description of Artificial Sequence:Tx-108C
          synthetic sequence
 55
          <400> 45
                                                    40
          atatacggat ccatcacteg tgcattcgcc testitigtg
          <210> 48
          <211>68
```

```
<212> DNA
        <213> Artificial Sequence
        <220>
        <223> Description of Artificial Sequence:Tx-108C-2
        <400>46
5
            gegecacasa attaggegaa tgcactagtg atggateegt atatgatate tacegtacee 60
            aacgcgtt
10
         <210> 47
         <211> 52
         <212> DNA
         <213> Artificial Sequence
15
         <223> Description of Artificial Sequence:Tx-158C-162H
         synthetic sequence
         ctagggttaa cccgtgtgat gcccagcaat taaagtgett tgcagtafta ac
                                                                 52
         <210> 48
20
          <211> 84
          <212> DNA
          <213> Artificial Sequence
          <220>
          <223> Description of Artificial Sequence:TX-158C-162H-2
 25
          <400> 48
             tggagtgtta gacgtaatca tcggagctcc ggttcggtta atactgcaaa tcactttaat 60
              tgctgggcac agcacgggtt aacc
 30
          <210>49
          <211>40
           <212> DNA
           <213> Artificial Sequence
 35
           <220>
           <223> Description of Artificial Sequence:Tx-108c-110c
           synthetic sequence
           <400> 49
           atatacggat ccatcacaag tgcattcgcc taattttgtg
                                                      40
  40
           <210> 50
           <211>68
           <212> DNA
           <213> Artificial Sequence
           <220>
  45
           <223> Description of Artificial Sequence:Tx-108C-110C-2
           synthetic sequence
           <400> 50
             gegecacaaa attaggegaa tgeacttgtg atggateegt atatgatate tacegtacee 60
  50
                                                                                                    <u>.</u>58
             aacgcgtt
            <210> 51
            <211> 52
   55
            <212> DNA
            <213> Artificial Sequence
            <220>
```

45

50

55

EP 1 131 447 B1

<223> Description of Artificial Sequence:Tx-154C-15SC-152H synthetic sequence <400> 51 52 ctagggitaa cccgtgtgat gcccagcaat taeegtggca tgcagtatta ac <210> 52 <211>84 <212> DNA <213> Artificial Sequence <220> <223> Description of Artificial 10 Sequence:Tx-154C-158C-162H-2 <400> 52 tggagtgtta gacgtaatca teggagetce ggtteggtta atactgeatg ccactttaat 60 15 tgctgggcac agcacgggtt aacc <210>53 <211> 190 <212> PRT 20 <213> Artificial Sequence <220> <223> Description of Artificial Sequence: TrX amino acid sequence <400> 53. 25 Gin Thr lie Gin Pro Gly Thr Gly Tyr Asn Asn Gly Tyr Phe Tyr Ser Tyr Trp Asn Asp Gly His Gly Gly Val Thr Tyr Thr Asn Gly Pro Gly 30 25 20 Gly Gln Phe Ser Val Asn Trp Ser Asn Ser Gly Asn Phe Val Gly Gly 35 Lys Gly Trp Gln Pro Gly Thr Lys Asn Lys Val Ile Asn Phe Ser Gly

		50					'5 5					60					
5	Se r 65	1yr	Asn	Pro	Asn	70	Asn	Ser	Tyr	Leu	5er 75	Val	Tyr	Gly	Trp	Ser 80	
					85	Glu				,,							
10				100		Ala			IUS								
15			115			Tyr		120									
		130				Phe	135										
20	145					Val 150										-	
					165				•	2.0						Val	•
25	Glu	Gly	Тух	Phe 180	ser	Ser	Gly	Ser	Ala 185	Ser	Ile	Thr	Val	5er 190	•		
30	<210> 54 <211> 198 <212> DNA			_													
	<213> Artific				C		-Y-DS	1									
35	<223> Desc cassette <400> 54						•										
40	agcaas gacgts aacgcs gcgcss	gtta: late:	i tos	igage igees	etcc etcc	gtc: atc: ggt!	actt attgg teggi	gtg gaa tta	erac ecge	atco cacci tgcai	gt at tr to	tatg: tate: tact!	itato Igtao Staat	tac tgg	cgta lagtg tggg	ecc tta cac	60 120 180 198
45	<210> 55 <211> 67 <212> PRT <213> Artif <220> <223> Des	icial S			vpsa	ence:T	rx-DS	31									
50	casselle a																

```
Gly Ala Thr Lys Leu Gly Glu Val Thr Cys Asp Gly Ser Val Tyr Asp
                                  5
               1
             Ile Tyr Arg Thr Gln Arg Val Asn Gln Pro Ser Ile Ile Gly Thr Ala
5
                                                    25
                            20
             The Phe Tyr Glm Tyr Trp Ser Val Arg Arg Asn His Arg Ser Ser Gly
                                              40
10
                        35
              Ser Val Asn Thr Ala Cys His Phe Asn Ala Trp Ala Gln Gln Gly Leu
                                                                 60
                                          55
                    50
15
              Thr Leu Gly
               65
        <210> 56
        <211> 15
20
         <212> PRT
         <213> Artificial Sequence
         <220>
         <223> Description of Artificial Sequence:TrX-162H-DS1
         cassette aa-
 25
         <400> 56
                 Ala Cys His Phe Asn Ala Trp Ala Gln His Gly Leu Thr Leu Gly
                                                            10
 30
          <210> 57
          <211> 198
          <212> DNA
          <213> Artificial Sequence
  35
          <220>
          <223> Description of Artificial Sequence:TrX-162H-DS2
          cassette
          <400> 57
             gegecacata attaggegat tycactagtg atggateegt atatgatate tacegtacee 60
  40
             aargegttaa teageeareg ateattggaa eegeearett trateagtar tggagtgtta 120
             gaegtaatca teggageter ggtteggtta ataetgeaaa teaetttaat tgetgggeae 180
             agracgggtt aaccetag
   45
           <210> 58
           <211>67
           <212> PRT
           <213> Artificial Sequence
   50
           <220>
           <223> Description of Artificial Sequence:TrX-162H-DS2
           cassette aa
           <400> 58
```

```
Gly Ala Thr Lys Leu Gly Glu Cys Thr Ser Asp Sex Ser Val Tyr Asp
          Ile Tyr Arg Thr Gln Arg Val Asn Gln Pro Ser Ile Ile Gly Thr Ala
                                                25
5
                         20
           The Phe Tyr Gln Tyr Trp Ser Val Arg Arg Asn His Arg Ser Ser Gly
                                           40
           Ser Val Asn Thr Ala Asn His Phe Asn Cys Trp Ala Gln His Gly Leu
10
                                                             60
                                       55
           Thr Leu Gly
            65
15
        <210> 59
        <211> 198
        <212> DNA
        <213> Artificial Sequence
20
        <220>
        <223> Description of Artificial Sequence:TrX-162H-DS4
        cassette
        <400> 59
25
           gegecacaaa attaggegaa tgeaettgtg atggateegt atatgatate taeegtaeec 60
           aacgogttaa teagceateg atcattggma cogcosett ttateagtae tggagtgtta 120
           gaegraates teggagetee ggtteggtta atactgestg ceaetttaat tgetgggese 180
           agcacgggtt aaccctag
 30
        · <210> 60
         <211>67
         <212> PRT
 35
         <213> Artificial Sequence
         <220>
         <223> Description of Artificial Sequence:TrX-162H-DS4
         cassete aa
         <400> 60
 40
              Gly Ala Thr Lys Leu Gly Glu Cys Thr Cys Asp Gly Ser Val Tyr Asp
                                                       10
              Ile Tyr Arg Thr Gln Arg Val Asn Gln Pro Ser Ile Ile Gly Thr Ala
 45
                                                                         30
```

Thr Phe Tyr Gln Tyr Trp Ser Val Arg Arg Asn His Arg Ser Ser Gly
35 40 45

Ser Val Asn Thr Ala Cys His Phe Asn Cys Trp Ala Gln His Gly Leu 50 55

Thr Leu Gly

•

10

15

25

30

50

<210>61

<211> 42

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence:TrX-162H-DS1

cassette

20 <400> 61

cetgocaett ceatgoatgg goacegcacg ggttaecoct ag

42

Claims

- 1. An Isolated Family 11 xylanase comprising at least one intramolecular disulphide bond, and a basic amino acid at position 162 (*Trichoderma ressei* xylanase It numbering) or its equivalent, said position determined from sequence alignment of said isolated xylanase with said *Trichoderma ressei* xylanase II amino acid sequence defined in SEQ ID NO:16, said Isolated xylanase exhibiting at least 40% of optimal activity, when compared to wild-type xylanase, from pH 3.5 to pH 6.0, and from 40 to 60°C, and at least 30% of optimal activity after a pre-incubation step for 30 minutes at 70°C, 80°C or 90°C in the presence of 40% glycerol;
 - a pre-incubation step for 30 minutes at 70 G, 80 G is 30 Minutes of a stabilizer or a pre-incubation step for 30 or 60 minutes at 62.5°C in the absence of a stabilizer or a pre-incubation step of 30 minutes at 64°C or 68°C in the absence of a stabilizer.
- The isolated xylanasa of claim 1, wherein said basic amino acid is selected from the group consisting of tysine, arginine and histidine.
 - 3. The isolated xylanase of claim 2, wherein said basic amino acid is histidine.
- The Isolated xylenase of claim 1 comprising two disulfide bridges.
 - The isolated xylanase of claim 1 selected from the group consisting of TrX-182H-DS1, TrX-162H-DS2, TrX-162H-DS4, and TrX-DS8.
- 6. The isolated xylanase of claim 5, wherein said xylanase is TrX-162H-DS1.
 - The Isolated xylanase of claim 5, wherein said xylanase is TrX-182H-DS2.
 - 8. The isolated xylanase of claim 5, wherein said xylanase is TrX-162H-DS4.
 - 9. The isolated xylanase of claim 5, wherein said xylanase is TrX-DS8.
 - 10. A method of obtaining Family 11 xylanase comprising:
- i) selecting an organism that expresses xylanase activity, and obtaining said xylanase from said organism;
 ii) determining whether said xylanase exhibits at least 40% of optimal activity, when compared to wild-type xylanase, from pH 3.5 to pH 6.0, and from 40 to 60°C; and iii) determining whether said xylanase is a Family 11 xylanase and exhibits at least 30% of optimal activity after

15

23

30

35

EP 1 131 447 B1

a pre-incubation step for 30 minutes at 70°C. 80°C or 90°C in the presence of 40% glycerol; a pre-incubation step for 30 or 60 minutes at 62.5°C in the absence of a stabilizer; or a pre-incubation step of 30 minutes at 64°C or 68°C in the absence of a stabilizer; lv) determining whether said xylanase has a basic amino acid at position 162 (Trichoderma reesei xylanase II numbering), said position determined from sequence alignment of said isolated xylanese with said Trichoderma reesel xylanase II amino acid sequence defined in SEQ ID NO: 16, and an intra-molecular disulfide bond; and v) retaining said xylanase that expresses these properties.

- 11. The method of claim 10, wherein step i) includes partially purifying said xylanase.
- 12. A method of preparing animal feed comprising applying the isolated xylanase of claim 1 onto said animal feed to produce a xylanese-animal feed combination, and heat sterilizing said xylanesa-animal feed combination.
- 13. The method of claim 12, wherein sald animal feed is a poultry or swine feed.
- 14. A method of preparing animal feed comprising, applying the xylanase obtained from step v) of claim 10 onto said animal feed to produce a xylanase-animal feed combination, and heat sterilizing said xylanase-animal feed combination.
- 15. The method of claim 14, wherein said animal feed is a poultry or swine feed. 20
 - 16. The isolated xylanase of claim 1, wherein the xylanase is recombinant.
 - 17. The isolated xylanase of claim 1 comprising one disulfide bridge.
 - 18. The isolated xylanase of claim 1, said xylanase obtained from an organism selected from the group consisting of Aspergillus niger, Aspergillus kawachli, Aspergillus tubigensis, Bacillus circulans, Bacillus pumilus, Bacillus subtilis. Cellulomonas fimi, Chainia spp., Clostridium acetobutylicum, Clostridium stercorarium, Fibrobacter succinogenes, Neosallimasterix patriciarum, Nocardiopsis dassonvillel, Ruminococcus flavefaciens, Schizophyllum commune, Streptomyces lividens. Streptomyces sp. No,36a, Streptomyces thermoviolaceus, Thermomonospora fusca, Trichoderms harzienum, Trichoderma reesel, and Trichoderma viride.
 - 19. An isolated Family 11 xylanase characterized in comprising at least one intramolecular disulfide bond, and a basic amino acid at position 162 (Trichoderma reesel xylanase II numbering) or its equivalent, said position determined from sequence alignment of said isolated xylanase with said Trichodorma reesei xylanase n amino acid sequence defined in SEQ ID NO:16. said xylanase exhibiting at least 30% of optimal activity, when compared to wild-type
 - a pre-incubation step for 30 minutes at 70°C, 80°C or 90°C in the presence of 40% glycerol; xylanase, after
 - a pre-incubation step for 30 or 60 minutes at 625°C in the absence of a stabilizer, or
- a pre-incubation step of 30 minutes at 64°C or 68°C in the absence of a stabilizer. 40

Patentansprüche

- 1. Isolierte Xylanese der Familie 11, umfassend mindestens eine intramolekulare Disulfid-Bindung und eine basische Aminosäure in Position 162 (Trichoderma reasei Xylanase II Numerierung) oder deren Äquivalent, wobel diese Position durch Sequenzvergleich der genannten Isollerten Xylanase mit der Aminosäuresequenz der genannten Trichoderma reesel Xylanase II, wie sie in SEQ ID NO:16 definiert ist, festgelegt wurde, wobei die genennte isolierte Xylanasa, im Vergleich mit Xylanase vom Wildtyp, mindestens 40% der optimalen Aktivität im Bereich von pH 3,5
- bis 6,0 and von 40 bis 60°C zeigt, und nach einem 30 minütigen Vorinkubations-Schritt bei 70°C, 80°C oder 90°C in der Gegenwart von 40% Glycerin, 50 einem 30- oder 60 minütigen Vorlnkubations-Schritt bei 62,5°C in Abwesenheit eines Stabilisators oder einem 30-minütigen Vorinkubattons-Schritt bei 64°C oder 68°C in Abwesenheit eines Stabilisators mindestens 30% der optimalen Aktivität zeigt.
 - Isolierte Xylanase gemäß Anapruch 1, worin die genannte basische Aminosäure ausgewählt ist aus der Gruppe, die aus Lysin, Arginin und Histidin besteht.

40

50

EP 1 131 447 B1

- 3. Isolierte Xylanese gemäß Anspruch 2, worln die genannte basische Aminosaure Histidin ist.
- 4. Isolierte Xylanase gemäß Anspruch 1, umfassen zwei Disulfid-Brücken.

650-846-6009

- Isollerte Xylanese gemäß Anspruch 1, ausgewählt aus der Gruppe, die aus TrX-162H-DS1, TrX-162H-DS2, TrX-162H-DS4 und TrX-DS8 besteht.
 - Isolierte Xylanase gemäß Anspruch 5, worin die Xylanase TrX-162H-DS1 ist.
- Isollede Xylanase gemäß Anspruch 5, worin die Xylanase TrX-162H-DS2 ist.
 - Isolleria Xylanase gemäß Anspruch 5, worin die Xylanase TrX-162H-DS4 ist.
 - Isolierte Xylanase gemäß Anspruch 5, worin die Xylanase TrX-DS8 ist.
- 10. Verfahren zum Gewinnen einer Xylanase der Familie 11, umfassen: 15
 - i) Auswählen eines Organismus', der Xylanase-Aktivität exprimiert, und Gewinnen der Xylanase aus diesem
- ii) Feststellen, ob diese Xylanase, im Vergleich mit Xylanase vom Wildtyp, mindestens 40% der optimalen Aktivitat im Bereich von pH 3,5 bis pH 6,0 und von 40 bis 60°C zelgt; 20 iii) Feststellen, ob die genannte Xylanase eine Xylanase der Familie 11 ist und nach
 - einem 30 minütigen Vorinkubations-Schritt bei 70°C, 80°C oder 90°C in der Gegenwart von 40% Glycerin, einem 30- oder 60 minütigen Vorinkubations-Schritt bei 62,5°C in Abwesenheit eines Stabilisators oder einem 30-mlnütigen Vorinkubetlons-Schritt bei 64°C oder 68°C in Abwesenheit eines Stabilisators
 - iv) Feststellen, ob die genannte Xylanase eine basische Aminosäure in Position 162 (Trichoderma reesei mindestens 30% der optimalen Aktivität zeigt; Xylanase 11 Numerierung), wobei diese Position durch einen Sequenzvergleich der genannten Isolierten Xylanase mil der Aminosauresequenz der genannten Trichoderma reesei Xylanase II, wie sie in SEQ ID NO:18 definiert ist, festgestellt wird, und eine intramolekulare Disulfid-Bindung besitzt, und
 - v) Gewinnen oder Zurückbehalten der Xylanase, die diese Eigenschaften zeigt. 30
 - 11. Verfahren nach Anspruch 10, worln Schritt I) das tellweisen Reinigen der Xylanase umfasst.
 - 12. Verfahren zum Herstellen von Tierfutter, umfassend das Aufbringen der isolierten Xylanase gemäß Anspruch 1 auf das Tierfutter, um eine Xylanase-Tierfutter-Kombination zu erzeugen, und Hitzesterlisieren der genannten Xylana-35 se-Tlerfutter-Kombination.
 - 13. Verfahren gemäß Anspruch 12, wonn das Tierfutter ein Geflügel- oder Schweinefutter ist.
 - 14. Verfahren zum Herstellen von Tlerfutter, umfassend das Aufbringen der aus Schritt v) des Anspruchs 10 erhaltenen Xylanase auf das genernte Tierfutter, um eine Xylanase-Tierfutter-Kombination zu erzeugen, und Hitzesterilisieren der genannten Xylanase-Tierlutter-Kombination.
 - 15. Verfahren nach Anspruch 14, worin das Tierfutter ein Geflügel- oder Schweinefutter ist. 46
 - 16. Isolierte Xylanase gemäß Anspruch 1, worin die Xylanase rekombinant ist.
 - 17. Isolierte Xylanase gemäß Anspruch 1, umfassend eine (elnzige) Disulfid-Brücke.
- 18. Isolierte Xylanase gemäß Anspruch 1, worin die Xylanase aus einem Organismus gewonnen wurde, der ausgewählt lst aus der aus Aspergillus niger. Aspergillus kawachii, Aspergillus tubigensis, Bacillus circulans, Bacillus pumilus, Bacillus subtills, Cellulomonas fimi, Chalnta spp., Clostridium acetobutylicum, Clostridium stercorarium, Fibrobactersuccinogenes, Neocallimasterix patriclarum, Nocardiopsis dassonvillei, Ruminococcus flavefaciens, Schizophyllum commune, Streptomyces lividans, Streptomyces sp. Nr. 36a, Streptomyces thermoviolaceus, Thermomonospora fusca, Trichoderma harzianum, Trichoderma reesei und Triochderma viride umfassenden Gruppe.
 - 19. Isolierte Xylanase der Familie 11, dadurch gekennzelchnet, dass sie mindestens eine Intramolekulare Disulfid-

15

25

40

45

50

FP 1 131 447 B1

Brücke und und eine basische Aminosäure in Position 162 (*Trichoderma reesei* Xylanase 11 Numerierung) oder deren Äquivalent umfasst, wobei diese Position durch Sequenzvergleich der genannten isolierten Xylanase mit der Aminosäuresequenz der genannten *Trichoderma reesei* Xylanase II, wie sie in SEQ ID NO:16 definiert ist, festgelegt wurde, wobei die genannte Xylanase, im Vergleich mit Xylanase vom Wildtyp, nach einem 30 minütigen Vorinkubations-Schritt bei 70°C, 80°C oder 90°C in der Gegenwart von 40% Glycerin, einem 30- oder 60 minütigen Vorinkubations-Schritt bei 62,5°C in Abwesenheit eines Stabilisators oder einem 30-minütigen Vorinkubations-Schritt bei 64°C oder 68°C in Abwesenheit eines Stabilisators mindestens 30% der optimalen Aktivität zelgt.

Revendications

- 1. Xylanase isolée de la famille 11 comprenant au moins un pont disulfure intramoléculaire, et un acide aminé basique à la position 162 (numérotation de la xylanase 11 de Trichoderma reesei) ou son équivalent, ladite position étant déterminée à partir de l'alignement de séquence de ladite xylanase isolée avec ladite séquence d'acides aminés de la xylanase II de Trichoderma reesei définie dans SEQ ID N°: 16, ladite xylanase isolée présentant au moins 40 % d'activité optimale lorsqu'elle est comparée à la xylanase de type sauvage de pH 3,5 à pH 6,0, et de 40 à 60°C, et au moins 30 % d'activité optimale après une étape de pré-incubation de 30 minutes à 70°C, 80°C ou 90°C en présence de 40 % de glycérol;
- 20 une étape de pré-incubation de 30 ou 60 minutes à 62,5°C en l'absence d'un stabilisateur ; ou une étape de pré-incubation de 30 minutes à 64°C ou 68°C en l'absence d'un stabilisateur.
 - Xylanase Isolée selon la revendication 1, dans laquelle ledit acide aminé basique est choisi dans le groupe constitué
 par la lysine, l'arginine et l'histidine.
 - 3. Xylanase isolée selon la revendication 2, dans laquelle ledit acide aminé basique est l'histidine.
 - 4. Xylanese isolée selon la revendication 1, comprenent deux ponts disulfure.
- Xylanase isolée selon la revendication 1, choisle dans le groupe constitué par TrX-162H-DS1, TrX-162H-DS2, TrX-162H-DS4, et TrX-DS8.
 - 6. Xylanese isolée selon la révendication 5, dans laquelle ladite xylanase est TrX-162H-DS1.
- 7. Xylanase isolée selon la revendication 5, dans laquelle ladite xylanase est TrX-162H-DS2.
 - 8. Xylonase isolée selon la revendication 5, dans laquelle ladite xylonase est TrX-162H-DS4.
 - 9. Xylanase isolée selon la revendication 5, dans laquelle ladite xylanase est TrX-DS8.
 - 10. Procédé d'obtention d'une xytanase de la famille 11, comprenant :
 - i) la sélection d'un organisme qui exprime l'activité xylanase, et l'obtention de ladite xylanase dudit organisme ; ii) la détermination du fait que la xylanase présente ou non au moins 40 % d'activité optimale lorsqu'elle est comparée à la xylanase de type sauvage de pH 3,5 à pH 6,0, et de 40 à 60°C ; et
 - iii) la détermination du fait que ladite xylanase est une xylanase de la famille 11 et présente au moins 30 %
 - d'activité optimale apres une étape de pré-incubation de 30 minutes à 70°C, 80°C ou 90°C en présence de 40 % de glycérol ; une étape de pré-incubation de 30 ou 60 minutes à 62,5°C en l'absence d'un stabilisateur ; ou une étape de pré-incubation de 30 ou 60 minutes à 62,5°C en l'absence d'un stabilisateur ;
 - une étape de pré-incubation de 30 minutes à 64°C ou 68°C en l'absence d'un stabilisateur ; iv) la détermination du fait que ladite xylanese a ou non un acide aminé basique à la position 162 (numérotation de la xylanese II de *Trichoderma* reesel), ladite position étant déterminée à partir de l'alignement de séquence de ladite xylanese isolée avec ladite séquence d'acides aminés de la xylanese II de *Trichoderma* reesel définie dans SEQ ID N° : 16, et un pont disulture intramoléculaire ; et
 - v) la conservation de ladite xylanase qui exprime ces propriétés.
 - 11. Procédé selon la revendication 10, dans lequel l'étape I) comprend la purification partielle de ladite xylanase.

29

30

35

40

45

50

- 12. Procédé de préparation de nourriture pour animaux comprenant l'application de la xylanase isolée selon la reverdication 1 sur ladite nourriture pour animaux pour produire une combinaison de xylanase-nourriture pour animaux, et la stérilisation thermique de ladite combinaison de xylanase-nourriture pour animaux.
- 13. Procédé selon la revendication 12, dans lequel ladite nourriture pour animaux est de la nourriture pour la volaille ou les porcs.
 - 14. Procédé de préparation de nourriture pour animaux comprenent l'application de la xylanese obtenue dans l'étape v) de la revendication 10 sur ladite nourriture pour animaux pour produire une combinaison xylanase-nourriture pour animaux, et la stérilisation thermique de ladite combinaison de xylanase-nourriture pour animaux.
 - 15. Procédé selon la revendication 14, dans lequel ladite nourriture pour enimaux est de la nourriture pour la volaille ou les porcs.
- 15 . 16. Xylanase isolée selon la revendication 1, dans laquelle la xylanase est recombinante.
 - 17. xylanase Isolée selon la revendication 1. comprenent un pont disulfure.
 - 18. Xylanasa isolee salon la revendication 1, ladite xylanase étant obtenue à partir d'un organisme choisi dans le groupe constitué par Aspergillus niger, Aspergillus kawachii, Aspergillus tubigensis, Bacillus circulars, Bacillus pumillus, constitué par Aspergillus niger, Aspergillus kawachii, Aspergillus tubigensis, Bacillus circulars, Bacillus pumillus, Elevatoria particularia, Chainia spp., Clostridium acetobutyllcum, Clostridium stercorarium, Fibrobacter Bacillus subtills. Cellulomonas fimi, Chainia spp., Clostridium acetobutyllcum, Clostridium stercorarium, Fibrobacter succinogenes, Neocallimasterix patriciarum, Nocardiopals dassonvillel, Ruminococcus flavefaciens, Schizophyllum commune, Streptomyces lividans, Streptomyces sp. No. 38a, Streptomyces thermoviolaceus, Thermomonospora fusca, Trichoderma harzlanum. Trichoderma reesei, et Trichoderma viride.
 - 19. Xylanase isolée de la famille 11 caractérisée en ce qu'elle comprend au moins un pont disulfure intramoléculaire, et un acide eminé basique à la position 182 (numérotation de la xylanase II de *Trichoderma reesel*) ou son équivalent, la ladite position étant déterminée à partir de l'alignement de séquence de ladite xylanase isolée avec ladite séquence d'acides aminés de la xylanase II de *Trichoderma* reesei définie dans SEQ ID N°: 18, ladite xylanase isolée présentant au moins 30 % d'activité optimale lorsqu'elle est comparée à la xylanase de type sauvage après une étape de pré-incubation de 30 minutes à 70°C, 80°C ou 90°C en présence de 40 % de glycérol; une étape de pré-incubation de 30 ou 60 minutes à 62,5°C en l'absence d'un stabilisateur; ou une étape de pré-incubation de 30 minutes à 64°C ou 68°C en l'absence d'un stabilisateur.

		s afntqaap	31
	23	G	1
Ca	_	•	
C9	. 1	PITTNIEMGN HSGYDYELWK DYGNT-SMTL NNGGAFSAGW NNIGNA	45
-	1	KITATO OMTI KNUMEROVE	76
Bp		K.I.A.A.W. TMCT. NUUGIS DYES T	46
Ca	2	RIIYDNETGT HGGYDYELWK DYGNIZION FGAGSFTCSW SNIENF CAADOOTRGN VGGYDYEMWN QNGQGQASMN FGAGSFTCSW SNSGNF	45
C5	1	SAADQOTRGN VGGYDYEMMN QNGCGGCASITA GPGGQFSVNM SNSGNF	45
R£	1	QTIQPGTGY NNGYFYSYNN DGHGGUTYTN GPGGQFSVNN SNSGNF	45
Tr2		QTIQPETEY NNGYFYSYNN DEHEGYTYTN GPGGGFFYNN SNSGNF QTIQPETEF NNGYFYSYNN DEHEGYTYTN GGGGSFTYNN SNSGNF	45
TV	1	QTIQPGTGF NNGYFYSYWN DGHAGVTYTN GGGGSFTVNW SNSGNF QTIGPGTGY SNGYYSYWN DGHAGVTYTN GGGGSFTVNW SG-NNGNL	46
Th	1	OTIGPOTGY SNGYYSYNN DGHAGUTTAN NGGGSYTLTM SG-NNGNL SGTPSSTGT DGGYYYSWNT DGAGDATYON NGGGSYTLTM SG-NNGNL SGTPSSTGT DGGYYYSWNT DGAGDATYON NGGGSYTLTM SG-NNGNL	38
SC	1	SGTPSSTGT DGGYYYSWWT DGAGDATY-D ESAGTFSMYW EDGVSSDF S AGINYVONYN GNLGDFTY-D ESAGTFSMYW EDGVSSDF	38
An	1	S AGINYVONYN GNLODFTY-D ESAGTFSMYM EDGVSSDF S AGINYVONYN QNLGDFTY-D ESAGTFSMYM NTODDF	34
'AT	1	S AGINYVQNYN QNLGBFITTS PSNTGFSVNM N-TQDDF ASINYDQNYQ TGG-QVSYS- PSNTGFSVNM T-NGGNF	.45
Trl	1	ASINYDONYO TGG-QUSASH NGGGSYSTRM TNCGNE ATTIT-NETGY D-GMYYSFWT DGGGSYSMTL NGGGSYSTRM RNTGNE	47
58	7	ATTIT-NETGY D-GMYYSFWT DGGGSVSMIN GSGGGYSTSW RNTGNE DTVVTTNQEGT NNGYYYSFWT DSQGTVSMIN GSGGGYSTSW TNCGNE	46
SlB	1	DTVVTTNQEGT NNGYYYSFWT DSQGTVSHMTL NGGGSYSTQW TNCGNE ATTITNQTGT D-GMYYSFWT DGGGSVSMTL NGGGSYSTQW RNTGNE	. 45
slC	1	ATTITUQTGT D-GMYYSFWT DGGGSVSHLL GPGGNYSTSW RMTGNI AVTSNETGY HDGYFYSFWT DAPGTVSMEL GPGGNYSVNW SNTGNI	7 36
TĒ	' 1	AVARAMETAAAANTAINI GUGARISVAD U	
BC	1	ASIDYWONWI DGGGIVNAUN GSGGNISTAL	
28	1		
	•		
		TO A PROMISEY C VYGWTOSP	90
		LFRK-GKKFD ST-RTHHOLG NISINYNASF N-PSGNSYLC VYGWTOSP	121
Bp	46	LFRK-GKKFD ST-RTHHOLG NISININGS OPPGNSYLC VYGHTSSP LFRK-GKKFN DT-GTYKOLG NISVNYNCNY Q-PYGNSYLC VYGHTRNF	91
Ca	77	LFRK-GRKFN DT-QTYKQLG NISVNINCHT W-PNGNSYLC VXGHTRNF LFRK-GRKFN SD-XTYQELG DIVVEYGCDY N-PNGNSYLC VXGHTRNP	92
Cs	47	LFRK-GRKFN SD-XTYQELG DIVVEIGCDI XI-PRGNSYMC VYGHTRNP LARM-GKNYD SQUQNYKAFG NIVLTYDVEY T-PRGNSYMC VYGHSRNP	83
Rf	47	LARM-GKNYD SQKKNYKAFG NIVETIDUE: VNPNGNSYLS VYGWSRNP VGGK-EWQPG TXNKV	в3
Tr		VGGK-GWQPG TKNKVINFS-GS YNPNGNSYLS VYGWSRNP VGGK-GWQPG TKNKVINFS-GS YNPNGNSYLS IXGWSRNP	83
TV		VGGK-GWQPG TKNKVINFS-GS YNPNGNSYLS IXGWSRNP	84
Th		VGGK-GWOPG TXNKV	76
Sc	47	VGGK-GWNPG AASRS	77
Þπ	1 3:	VVGL-GNTTG SENA	72
At	3	VVGLGENTTG SSAP	82
Ţı		5 VVGV-GWTTG SSAP	84
S	•	6 VAGK-GWANG GR-RT	82
_		8 VAGK-GWANG GR-RT	82
			75
T	_	6 VAGK-GWATG GR-RIINYNAGV WAPNONGYLT LYGWIRSP VVGK-GWTTG SPFRIINYNAGV WAPNONGYLT LYGWIRSP	75
В	_	CHANGE COURT INTERIOR	/>
13	ls 3	7 VVGR-GWIIG SFIRE	

FIGURE 1

```
91 LARYYIVDEN GTYR-PT--G AYXGSFYADG GTYDIYETTR VNQPRIIG 135
   122 LVEXXVIDSW GSWRPP--GG TSKGTITVDG GIYDIYETTR INQPSIQG 167
    92 LVEYYIVESW GSWRPP--GA TPKGTITQWMAGTYEIYETTE VMQPSIDG 138
Bp
    93 LMEXXIVEGW GDWRPEGNDG EVKGTVSANG NTYDIRKTMR YNOPSLDG 140
Сa
    84 LIKYYIVENF GTYN-ESTGA TKLGEVTSDG SVYDIYRTOR VNORSIIG 130
Cs
Rf
     84 LIRIYIVENF GTYN-ESTGA TKLGEVTSDG SVYDIYRTOR VNQPBIIG 130
     84 LIBTYIVENF GTYN-PSTGA TKLGEVTSDG SVYDIYRTQB VKQPBIIG 130
Tv
     85 LIBYXIVESY GSYD-RSSAA SHKGSVTCNG ATYDILSTWR YMARAIDG 131
Th
     77 GARYXIVEDY GDYN-ECSSA TSLGTVYSDG STYOVCTDTR INERSITG 123
         QAEYYIVEDY GDYN-ECSSA TSLGTVYSDG STYQVCTDTB INEESITG 124
ĀΠ
         LVEXXIMEDN HNY--BAQ-G TVKGTVTSDG ATTTIWENTE VNEREIQG 117
At
     83 LVEYYIVDNW GSYR-PT--G ETRGTVHSDG GTYDIYKTTR YKAPSVER 127
 Trl 73
 SIB 85 LVEXXIVDNW GTYR-PT--G EYKGTVISDG GTYDIYKTTR VMKPEVEG 129
 SIC 83 LVEXXIVDNW GSYR-PT--G TYXGTVSSDG GTXDIYOTTR YNAPSVEG 127
      83 LVEYYIVESW GTYR-ET--G TYMGTVTTDG GTYDIYKTTE YMARSIEG 127
      76 LIETYVVDSH GTYR-2T--G TYK@TVKSDG GTYDIYTTTR YNARSIDG 120
 T£
          LIEXXVVDSW GIYR-ET--G TYKGIVKSDG GIYDIYTTIB YNARSIDG 120
 BC
 R3
          -INTEKOYWE VEOTKRIS-- -----GTVS VSAEFRKYES LOMPM-GK 174
          -NTTEKOYME VERTERTS-- -----GTIS VSKHPANNES KGMPL-GK 206
      136
          -TATYOOYWS VETSKRTS-- -----GTIS VIERFKOYER MGMRM-GK 177
  BP
     168
          -TATEPQYWS YEQTSGSANN QTNYMKGTID VSKSYDANSA AGLDMSGT 187
     139
  Cs
           -TATEYOTHE VERNER-S-S -----GSVN TANEFNAHAO QGLTL-GT 168
  Rf 141
  TV 131 -TATYYOYW<u>E VR</u>RTHR-S-S -----GSVN TANHINAWAQ QQLTL-GT 168
  TT2 131
  Th 131 -TATPYOYWS VRRIHR-S-S -----GSVN TANEFNAWAS HOLTL-GT 168
  Se 133 -TOTPEOFWS VRNPKKAPGG SIS---GTVD VQCHPDAWKG LGMNIGSE 175
   AB 124 -TSTETOYFE YRESTRIS-- -----GIVI VANHFNENAQ HGFGN-SD 162
   At 125 -TSTETOYFE VRESTRIS -- ----- GIVI VANHPNENAH HEFHN-SD 163
   Trl 118 -TATENOYIS WRNSPR-T-S -----GIVT VQNHPN-MAS LGLHIGOM 155
           -PAAEDQYWE YRQSKVT--S -----GTIT TGNEFDAWAR AGMNMGNF 168
   SIB 130 TR-TEDQYWE VRQSKR-TG- -----GTIT TGNHFDANAR AGMPLGNF 168
   51C 128 TK-TEODYWE VROSKVISGS -----GTIT TGNEEDAWAR AGROMGOF 168
   TI 128 TR-TEDOYWE YROSKRTS-- -----GTIT AGNEEDAWAR HEMHLETH 166
   Be 121 DRITETOYNE VROSKRPIGS N ---- ATIT FINHVNAMKS HEMNLGSN 163
   BS 121 DRITTETOYME VROSKRPTGS N-----ATIT FSMHVNAMKS HEMNLGSN 163
```

FIGURE 1 (CONT'D)

•		MYETAFTVEG YQSSGSANVM TNQLFIGN	201
вр	174	MHETAFNIEG YQSSGKADVN SMSINIGK	233
Ça	207	MHETAFNIEG 1005GYANVY KNEIRIGANP	
Çs	178	WAEAUTARG AGSSTATIAL TOTAL	211
RE	188	LYEVSLNIEG YRSNGSANVK SVSV	190
Tr2	169	MDYQIVAVEG YFSSGSASI- TVS	190
TV	169	MDYQIVAVEG YFSSGSASI- TVS	190
Th	169	MOVOTVAVEG YFSSGSASI- 1V5	
	176	HNYOIVATEG YQSSGTATI- TVT	197
Sc	163	FNYQVMAVEA WSGAGSASV- TISS	184
Αn		FNYQVVAVEA WSGAGSAAV- TISS	185
At	164	MNYQVVAVEG WGGSGSASQ- SVSN	178
Trl		RYYMINATEG YQSSGSTI- TVSG	189
Ss	167	SYMINATEG YOSSETSSI- NVGG	• •
SlB	169	SYMINALEG TOSSISSNI- TVSG	191
sic	169	KAAWINVIER TARRESTED	
Tf	167	D-AMINITIO AND TANK	185
ВС	164	MAYQVMATEG TODESCORE	185
Вв	164	WAYQVMATEG YQSSGSNV- TVW	

- Bacillus pumilus Βp
- Clostridium acetobutylicum P262 XynB Ca
- Clostridium stercorarium xynA Ċ\$
- Ruminococcus flavefaciens Rf
- Tr2 Trichoderma reesei XYN II
- Trichoderma viride
- Trichoderma harzianum Th
- Schizophyllum commune Xylanase A SC
- Aspergillus niger, var. awamori Αn
- Aspergillus tubigensis At
- Trl Trichoderma reesei XYN I
- Ss Streptomyces sp. 36a
- SlB Streptomyces lividans Xln B
- SlC Streptomyces lividans Xln C
- Tf Thermomonospora fusca TfxA
- Bacillus circulans BC
- Bacillus subtilis

FIGURE 1 (CONT'D)

		S	O'-CT AGG	TAA GG3 ATT CC1	. CC <u>G4C</u>	CAG ATG GTC TAC
1 2 3 Q T I CAA ACA ATA GTT TGT TAT	4 5 6 Q P G CAR CCA GGA GII GGT CCI K-8	T G	TrX-1 9 10 Y N TAC AAC ATG TTG	11 12 N G RAC GGT TTG CCA	13 14 Y E TAC TTT ATG AAA	Y S
17 18 19 Y W N TAI TGG AAC O	20 21 22 D G H GAT GGC CAT CTA CCG GTA NCO	<u></u>	25 26 V T STT ACC CAA TGG	27 28 Y T IAT ACA RTA TGT XYTV-7	29 30 N G RAC GGG ITG <u>CCC</u> Apa	31 32 P G CCC GGA GGG CCT
33 34 35 G Q F GGC CAA TTT CCG GTT AAA	TITLE CAG ALA	พี ร	~~~	G N	45 46 F V TTC GTA AAG CAT	47 48 G G GGT GGA CCA CCT
49 50 51 K G W AAA GGT TGG TTT CCA ACC	52 53 54 Q P G CAA CCC GGG GTT GGG CCC XMAI	TrX-3 55 56 T K ACC AAA TGG TTT	57 58 N K AAT AAG TTA TTC	59 60 V 1 GIG ATC CAC TAG	61 62 N F AAC TIC TIG AAG	63 64 S G TCT GGA AGA CCT
65 66 67 S Y N TCT TAT AAT AGA ATA TTA	68 69 70 P N G CCG AAT GGG GGC TTA CCC	71 72 N 5 AAT TCA TTA AGT	73 74 Y L TAC TTA ATG PAT ATILI	75 76 5 V AGC GTC TCG CAG	77 78 Y G TAT GGC ATA CCG	79 80 W S TGG TCT ACC AGA
XyTV-4 81 82 83 R N P AGA AAC CCA ICT TTG GGT Xba I	84 85 86 L I E CTG ATT GAA GAC TAA CTT XYTV-5	87 88 Y Y TAT TAC ATA ATG	89 90 I V ATT GTC TAA CAG	91 92 E N GAA AAT CTT TTA	93 94 F G TIC GGT AAG C	95 T AC Kpn I

FIG. 2

```
Y D N F G T Y N P S T G A T K L
TC GAC AAT TTC GGT ACC TAC AAT CCG AGT ACC GGC GCC ACA AAA TTA
G TTA AAG CCA TGG ATG TTA GGC TCA TGG CCG CGG TGT TTT AAT
Xv1v-102
122 123 124 125 126 127 128 129 130 131 132 133 134 135 136 137 R V N Q P S I I G T A T F Y Q Y CGC GTT PAT CAG CCA TCG ATC ATT GGA ACC GCC ACC TTT TAT CAG TAC GCG CAR TTA GTC GGT AGC TAG TAR CCT TGG CGG TGG AAA ATA GTC ATG MIUI
 138 139 140 141 142 143 144 145 146 147 148 149 150 151 152 153
 XYTV-104

154 155 156 157 158 159 160 161 162 163 164 165 166 167 168 169

N H F N A W A Q Q G L T L G T M

N H F N A W A Q Q G L T L G T M

RAT CAC TTT AAT GCA TGG GCA CAG CAA GGG TTA ACC CTA GGT ACA ATG

TTA GTG AAA TTA CGT ACC CGT GTC GTT CCC ART TGG GAT CCA TGT TAC

TTA GTG AAA TTA CGT ACC XYTV-107

NSII XYTV-107
 XYTV-105

170 171 172 173 174 175 176 177 178 179 180 181 182 183 184 185

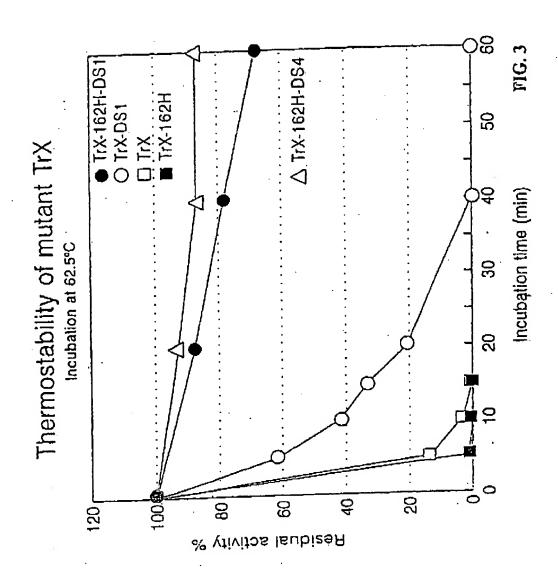
D Y Q I V A V E G Y F S S G S A

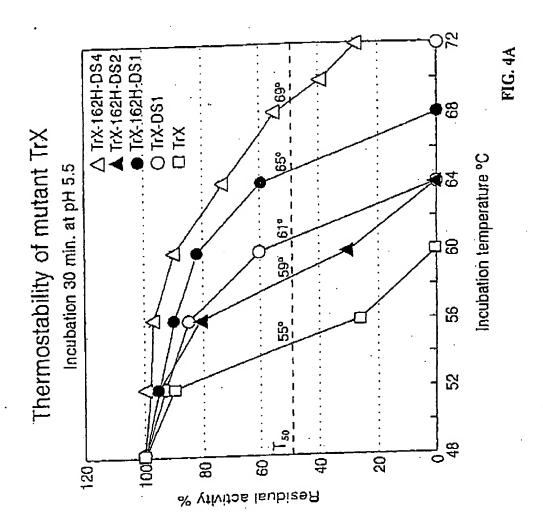
GAT TAT CAA ATC GTA GCG GTG GAA GGC TAC TTC TCG AGT GGT TCC GCT

CTA ATA GTT TAG CAT CGC CAC CTT CCG ATG AAG AGC TCA CCA AGG CGA
                                                           XYTV-106
   186 127 188 189 190
                               v
                       T
  AGT ATT ACA GTG AGC TAA A TCA TAA TGT CAC TCG ATT TCT AG
            I
                                                     Balli
```

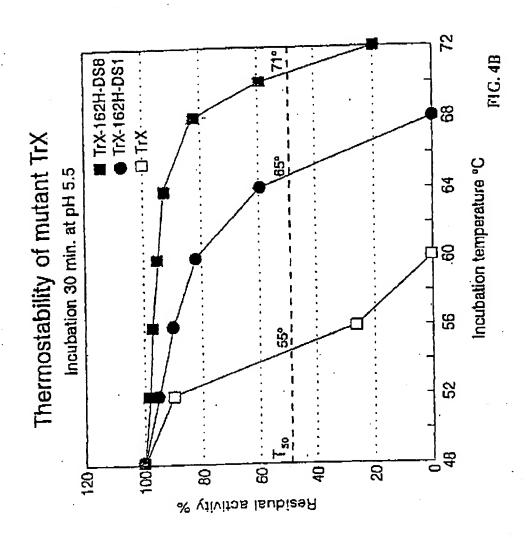
FIG. 2 (CONT'D)

EP 1 131 447 B1

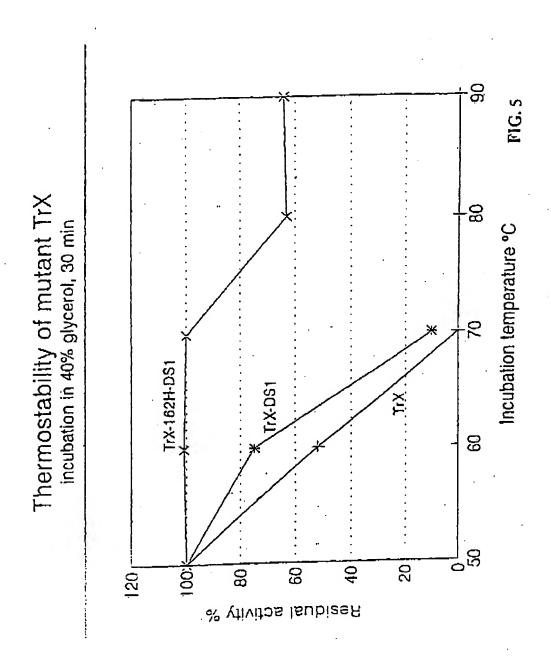




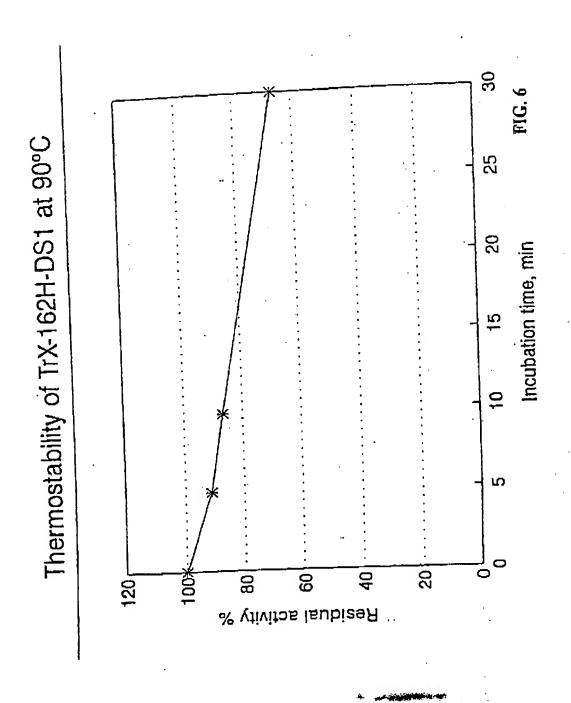
EP 1 131 447 B1



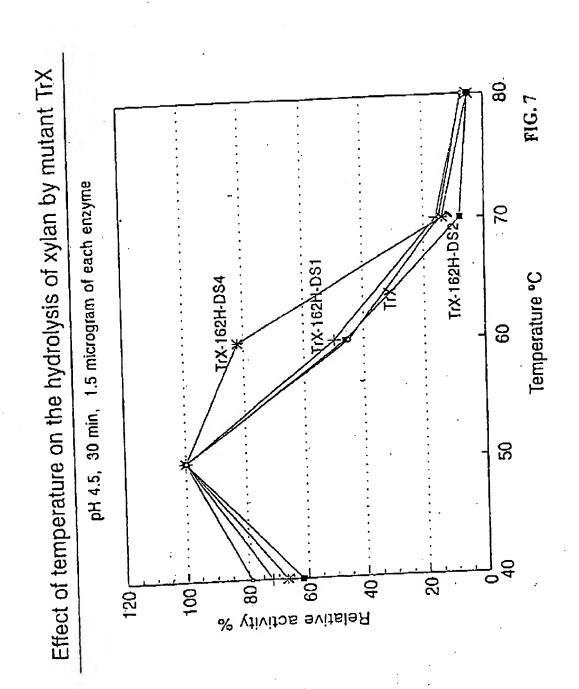
EP 1 131 447 B1



EP 1 131 447 B1



EP 1 131 447 B1



EP 1 131 447 B1

